

Caracterização molecular dos acessos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) que compõem os ensaios de VCU

Mariana Machado Alencastro Veiga¹, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser², Rosana Pereira Vianello Brondani³, Jorge Freitas Cieslak⁴, Helton Santos Pereira⁵, Leonardo Cunha Melo⁶ e Tereza Cristina de Oliveira Borba⁷

A demanda constante por cultivares de feijoeiro comum com características morfo-agronômicas favoráveis é contínua e guia o programa de melhoramento do feijoeiro da Embrapa Arroz e Feijão, sempre buscando novidades para atender os setores produtivos e consumidor. Todas as cultivares, para fins de registro e comercialização, devem ser avaliadas quanto ao seu valor intrínseco para a agricultura e para os consumidores através do teste de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Ao final do ensaio, são identificadas as linhagens que apresentam desempenho superior às cultivares de referência incluídas no teste. O emprego de ferramentas moleculares, como os marcadores microssatélites, visam a caracterização molecular dos genótipos que compõem o ensaio, possibilitando estimar a extensão da variabilidade genética do conjunto de linhagens, bem como na determinação da identidade genética de cada material. Nesse estudo, o objetivo foi o de caracterizar a variabilidade genética de linhagens de feijoeiro comum que compõem experimentos de VCU conduzidos nos anos de 2009/2010. Foram utilizados 9 sistemas de genotipagem multiloco, baseado em 38 marcadores microssatélites fluorescentes e detecção semi-automatizada. Foram analisados 96 acessos de feijão, dos quais 69 são linhagens, sendo 12 do grupo preto (36) e 11 do grupo carioca (33), 24 são cultivares referência e 3 plantas controle para integração de dados. Até o momento 672 *data points* foram gerados. No momento estão sendo obtidas as estimativas da distância genética entre acessos, os valores de poder de exclusão e probabilidade de identidade, o número de alelos por loco e a informatividade genética dos locos. Os dados moleculares gerados estão sendo integrados a um banco de dados, ampliando a robustez das análises conduzidas ao longo dos estudos de caracterização molecular do feijoeiro comum no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão.

¹ Estudante de Graduação em Ciências Biológicas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marimaresya@hotmail.com

² Farmacêutica Industrial, especialista, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula@cnpaf.embrapa.br

³ Bióloga, Doutora em Biologia Molecular Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosanavb@cnpaf.embrapa.br

⁴ Estudante de Graduação em Ciências Biológicas, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jorge_cieslak@hotmail.com

⁵ Engenheiro agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton@cnpaf.embrapa.br

⁶ Engenheiro agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leonardo@cnpaf.embrapa.br

⁷ Engenheira de Alimentos, Doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santos Antônio de Goiás, GO, tereza@cnpaf.embrapa.br